



Universitat d'Alacant
Universidad de Alicante

Departamento de Ciencias del Mar y Biología Aplicada

OCEANOGRAFÍA BIOLÓGICA

Grado de Ciencias del Mar

Facultad de Ciencias



INTERPRETACIÓN DE DATOS OCEANOGRÁFICOS MEDIANTE ANÁLISIS DE DATOS UNIVARIANTES Y MULTIVARIANTES

Carlos Sanz Lázaro



Introducción

El estudio de los cambios en las comunidades pelágicas en relación a algún proceso o hipótesis en estudio, supone interpretar cambios en los poblamientos de zooplancton en relación a las características físico-químicas de la columna de agua. En general se realiza una aproximación mixta, uni- y multivariante para obtener una información más completa de los cambios en las comunidades, buscando correlaciones entre las diferentes variables. La representación gráfica de estas variables conforme a los cambios en las variables físico-químicas, gradientes ambientales o tratamientos de los factores considerados son un paso fundamental para definir y comunicar los resultados del estudio, apoyados comúnmente en análisis estadísticos apropiados con la naturaleza de los datos.

Objetivos

Utilizando los datos de abundancia de zooplancton de la Campaña de muestreo UAZOO realizada en Santa Pola, y en base a la hipótesis propuesta: “En un gradiente de incremento de profundidad de la columna de agua, se produce una disminución de la concentración de nutrientes, y una reducción del material particulado, lo que produce un cambio en las características físico-químicas que afectan a la estructura de la comunidad de zooplancton”, se tiene que realizar una serie de gráficas y análisis estadísticos para determinar si se cumple esta hipótesis, utilizando el programa R y siguiendo el protocolo adjunto.

Se deben interpretar unos resultados que implica la realización de a/ menos 8 gráficas entre las opciones de barras, correlación, PCA cluster y MDS; y los análisis de Permanova y Simper. Los gráficos deben ir acompañados de un pie de figura y una explicación del mismo. Los análisis deben estar estructurados en una tabla y una explicación de la misma. Las variables a representar deben ser escogidas por los alumnos y alumnas, y se justificará el por qué de esta elección. Entre esta práctica y la siguiente se obtendrán una serie de conclusiones que se incluirán en el informe de prácticas conjunto de ambas prácticas.



Script de las gráficas a realizar

R version 3.0.1 (2013-05-16) -- "Good Sport"

```
#instalamos paquetes
```

```
install.packages("vegan")
```



GRÁFICAS DE DATOS UNIVARIANTES

#Grabar la matriz de la hoja de cálculo como archivo del tipo: Texto (delimitado por tabulaciones) (*.txt)

```
dat=read.table(file.choose(), header=T)
```

#Fichero: "Correl.txt"

dat

Gráfico de barras con error estándar

#Calcula las medias y error estándar (ES) de copépodos calanoideos por estación.

```
medias<-tapply(dat$Cop_cal, dat$Estacion, mean)
```

```
es<-tapply(dat$Cop_cal, dat$Estacion, sd)/sqrt(tapply(dat$Cop_cal, dat$Estacion, length))
```

#Hace el gráfico de barras

```
barx<-barplot(medias, ylim=c(0,max(medias+2.5*es)), col="grey", ylab="Densidad (ind/m3)")
```

#Añade los ES

```
arrows(barx, medias, barx, medias+es, angle=90, code=3, length=0.2)
```



Gráfico de puntos con regresión

#Regresión de copépodos calanoideos vs materia particulada

```
plot(Cop_cal~(PM), data=dat)
```

#Nombramos los ejes

```
plot(Cop_cal~(PM), data=dat, ylab="Densidad (ind/m3)", xlab=" PM (g)")
```

#Hacemos la regresión

```
fit1<-lm(Cop_cal~PM, data=dat)
```

```
summary(fit1)
```

#Añadimos la regresión al gráfico

```
abline(fit1)
```

#Añadimos los límites de los ejes y el intervalo de cada marca en cada eje

```
plot(Cop_cal~(PM), data=dat, ylab="Densidad (ind/m3)", xlab=" PM (g)" ,  
xaxt = "n", yaxt = "n", xlim=c(0.016,0.028),ylim=c(0,110), type="p" )
```

```
axis(side = 1, at = seq(0.016,0.028, 0.003))
```

```
axis(side = 2, at = seq(0,110, 10))
```

```
abline(fit1)
```



GRÁFICAS DE DATOS MULTIVARIANTES

PCA

```
dat2=read.table(file.choose(), header=T)
```

```
#Fichero: "PCA.txt"
```

```
dat2
```

```
#Hacemos el PCA estandarizando (algunos autores lo llaman normalizar)  
las variables porque los datos están en rangos distintos
```

```
pca1<-prcomp(dat2,scale=T)
```

```
pca1
```

```
#Para obtener la cantidad de varianza explicada por cada PC
```

```
summary(pca1)
```

```
#Gráfica del PCA
```

```
biplot(pca1)
```

```
#Para hacer bubble plot basándonos en los datos de clorofila a
```

```
symbols(pca1$x,circles=sqrt(dat2$chl),inches=0.3,bg="green",fg="white")
```

```
text(pca1$x,labels=row.names(pca1$x),cex=0.7)
```



MDS

```
dat3=read.table(file.choose(), header=T)
```

```
#Fichero: "MDS.txt"
```

```
dat3
```

```
#Cargamos el paquete vegan
```

```
library(vegan)
```

```
#Primero transformamos los datos
```

```
raizdat3<-sqrt(dat3+1)
```

```
#Creamos una matriz de disimilaridad eligiendo un algoritmo que  
dependerá de los datos que tengamos, en nuestro caso usamos el  
algoritmo de Bray-Curtis, por ser datos de abundancia con muchos ceros.
```

```
dis<-vegdist(raizdat3,method="bray",binary=F)
```

```
dis
```

```
#MDS con dos dimensiones
```

```
mds<-metaMDS(dis, k=2,trymax=20) #k=número de dimensiones
```

```
mds
```

```
plot(mds, type="t")
```

```
#Si queremos unir las mismas profundidades de distintos radiales:
```

```
ordihull(mds, group=dat$Prof, show="6")
```



Cluster

```
cluster<-hclust(dis,method="average")
```

```
plot(cluster,hang=-1, ylab="Disimilitud Bray-Curtis", xlab=NA)
```

```
plot(cluster,hang=-1, ylab="Disimilitud Bray-Curtis", xaxt = "n", yaxt = "n",  
ylim=c(0.016,0))
```

```
plot(cluster,hang=-1, ylab="Disimilitud Bray-Curtis", xlab=NA, xaxt = "n",  
yaxt = "n", ylim=c(0.016,0))
```

```
axis(side = 2, at = seq(0,0.16, 0.04))
```

SIMPER

```
dat
```

```
sim <- with(dat, simper(raizdat3, Estacion))
```

```
summary(sim)
```



PERMANOVA

#Hacemos el PERMANOVA cogiendo como factor la profundidad

```
adonis(dat3 ~ Prof, data=dat, perm=1e3)
```

